

**The influence of habitat isolation on space use
and genetic structure of stone marten *Martes foina* population**

Wpływ izolacji środowiska na użytkowanie przestrzeni
i strukturę genetyczną populacji kuny domowej *Martes foina*

Autor:

mgr Anna Wereszczuk

Zakład Ekologii Behawioralnej i Ekofizjologii

Instytut Biologii Ssaków Polskiej Akademii Nauk

Promotor:

dr hab. Andrzej Zalewski

Zakład Ekologii Behawioralnej i Ekofizjologii

Instytut Biologii Ssaków Polskiej Akademii Nauk

Recenzenci:

Dr hab. Jerzy Romanowski, prof. UKSW

Zakład Fizjologii i Ekologii Zwierząt, Katedra Biologii

Uniwersytet Kardynała Stefana Wyszyńskiego w Warszawie

Prof. dr hab. Joanna Gliwicz

Pracownia Ekologii i Bioróżnorodności

Muzeum i Instytut Zoologii Polskiej Akademii Nauk

Fragmentacja środowiska jest obecnie jednym z głównych zagadnień biologii populacyjnej i ochrony przyrody. Wzrost fragmentacji powoduje zwiększanie liczby płatów środowiska, przy jednoczesnym zmniejszaniu ich powierzchni oraz wzroście ich izolacji. Izolowane płaty są otoczone „ekologicznym tłem” (ang. matrix), czyli różnymi typami antropogenicznych lub naturalnych środowisk, które charakteryzują się różnym stopniem „przepuszczalności”, przez co mogą ograniczać dyspersję i wpływać na użytkowanie przestrzeni przez zwierzęta zasiedlające płaty. Rodzaj matrix jest ważnym elementem kształtującym stopień izolacji lub łączności poszczególnych płatów środowiska.

Na poziomie płatów, wzrost izolacji spowodowany niską przepuszczalnością matrix w pierwszej kolejności powoduje zmiany w zachowaniu organizmów, w tym ograniczenie emigracji (ze względu na nieudane próby opuszczania izolowanego płatu) i zmiany sposobu użytkowania przestrzeni. Wzrost izolacji wpływa także na spadek imigracji ponieważ prawdopodobieństwo odnalezienia małego, izolowanego płatu przez osobniki z innych populacji zmniejsza się. Wzrost izolacji powoduje również spadek zróżnicowania genetycznego z powodu dryfu genetycznego. Natomiast odrębność genetyczna osobników zasiedlających silnie izolowany fragment środowiska, w porównaniu do osobników zasiedlających sąsiadujące, w mniejszym stopniu izolowane obszary, rośnie. Najczęściej barierami środowiskowymi ograniczającymi przepływ genów są masywy górskie lub rzeki, ale coraz częściej barierę taką zaczynają stanowić również obszary antropogeniczne, w których środowisko naturalne zostało silnie przekształcone przez człowieka. Dla niektórych gatunków zmienione przez człowieka obszary mogą jednak stanowić optymalne środowisko, a zmiany antropogeniczne umożliwiają dyspersję i łączność pomiędzy płatami zasiedlonymi przez zwierzęta tego gatunku, czasem również kolonizację nowych obszarów.

Kuna domowa (*Martes foina*) jest średniej wielkości drapieżnikiem. Charakteryzuje się dużą plastycznością adaptacyjną i zasiedla szereg typów środowisk. Występuje w znacznej części Europy, z wyjątkiem Wysp Brytyjskich, Norwegii, Szwecji, Finlandii i północnej Rosji. W Europie Środkowej i Wschodniej występowanie kuny domowej jest ściśle związane z obszarami zurbanizowanymi, gdzie zasiedla ona zarówno wsie jak i centra dużych miast.

Niniejsza rozprawa doktorska znacząco poszerza stan wiedzy na temat wpływu fragmentacji środowiska na funkcjonowanie populacji kuny domowej. Celem przedstawionej rozprawy było (1) poznanie wybiórczości środowiskowej kuny domowej w celu zidentyfikowania potencjalnych barier środowiskowych tworzonych przez różnego rodzaju matrix, (2) przeanalizowanie struktury genetycznej populacji kuny domowej w Polsce, w celu

ilościowego oszacowania przepuszczalności różnych typów matrix oraz (3) porównanie użytkowania przestrzeni w populacjach o różnym stopniu izolacji.

Aby zrealizować powyższe cele przeprowadziłam analizy na dwóch poziomach: (1) na obszarze całej Polski określiłam zmienność i strukturę genetyczną kuny domowej; (2) na dwóch powierzchniach badawczych w północno-wschodniej Polsce zbadalam wybiórczość środowiskową i użytkowanie przestrzeni. Silnie izolowana powierzchnia badawcza znajdowała się wewnątrz Puszczy Białowieskiej, natomiast powierzchnia o niskim stopniu izolacji otoczona była mozaiką obszarów rolniczych, małych płatów lasów i wsi. Do analizy struktury genetycznej wykorzystałam próby zebrane od 298 osobników z całej Polski oraz 22 markery mikrosatelitarne. Analizy wybiórczości siedliskowej i wielkości areałów przeprowadziłam na bazie danych zebranych od 41 radiotelemetrycznie znakowanych osobników z dwóch powierzchni badawczych (łącznie 6 247 lokalizacji). Wykorzystałam również dane o masie i długości ciała 66 osobników oraz dane na temat występowania kun w północno-wschodniej Polsce w ciągu ostatnich 60 lat.

Wybiórczość siedliskowa kuny domowej była analizowana przy użyciu funkcji selekcji zasobów (ang. RSFs). Została ona porównana z wybiórczością podobnej pod względem morfologii i ekologii kuny leśnej w celu określenia wpływu konkurencji międzygatunkowej na preferencje siedliskowe obu gatunków. Przeprowadzone analizy wykazały, że kuna domowa silnie preferuje obszary antropogeniczne (głównie wsie), natomiast unika łąk i lasów. Wykorzystuje one niewielkie płaty odnowień leśnych, otwarte tereny podmokłe i doliny rzek proporcjonalnie do powierzchni zajmowanej przez te środowiska w otaczającym krajobrazie. Kuna leśna preferuje środowiska unikane przez kunę domową (szczególnie lasy liściaste i iglaste), czego konsekwencją jest niemal całkowity rozdział nisz środowiskowych obu gatunków. Kuna domowa była średnio większa i w lepszej kondycji, niż kuna leśna, co może sugerować, że jest gatunkiem dominującym i wykorzystuje optymalne dla niej środowisko. Pozwala to przypuszczać, że unikanie przez kunę domową dużego kompleksu leśnego jest raczej związane z niskimi temperaturami w czasie zimy, brakiem odpowiednich kryjówek (które są dostępne w zabudowaniach) i/lub wysoką presją drapieżników, niż konkurencją pomiędzy gatunkami siostrzanymi.

Stosunkowo duże zagęszczenie i niski stopień izolacji obszarów zabudowanych w Polsce powodują brak wyraźnej struktury genetycznej w polskiej populacji kuny domowej, a stwierdzone zróżnicowanie genetyczne wynika głównie z izolacji przez dystans. W Polsce stwierdzono obecność od dwóch do czterech grup genetycznych, o niskim prawdopodobieństwie przyporządkowania (z wyjątkiem kun z Puszczy Białowieskiej). Jednak

odrębność genetyczna kun zasiedlających poszczególne powierzchnie w Polsce zwiększa się wraz ze wzrostem udziału lasów otaczających te powierzchnie. Hipoteza – jaką postawiono na podstawie analiz wybiórczości siedliskowej – zakładająca, że duży kompleks leśny stanowi barierę w przepływie genów u kuny domowej, została potwierdzona przez analizy genetyczne. Kuny domowe zasiedlające wsie otoczone ciągłym, dużym kompleksem leśnym Puszczy Białowieskiej stanowią wyraźnie rozdzielną genetycznie grupę o dwukrotnie wyższym indeksie odrębności genetycznej, niż pozostałe populacje z całej Polski (włączając populację oddaloną jedynie o 20 km). Niska liczba alleli, a także niska oczekiwana i obserwowana heterozygotyczność w porównaniu do pozostałych populacji, wskazują na działanie dryfu genetycznego w populacji kuny domowej z Puszczy Białowieskiej. Wyniki analiz genetycznych wskazują jednocześnie na niedawną kolonizację północno-wschodniej Polski przez kunę domową, która nastąpiła prawdopodobnie dopiero około 30 lat temu. Wyniki te zostały potwierdzone przez dane o występowaniu tego gatunku uzyskane z kolekcji muzealnej.

Analizy użytkowania przestrzeni przez kunę domową wykazały, że konsekwencją silnej izolacji przez duży kompleks leśny było wykorzystywanie przez nią dwóch strategii użytkowania przestrzeni – stacjonarnej i nomadycznej, niezależnie od wieku i masy ciała osobnika. Stacjonarne osobniki zajmowały bardzo małe arealy (najmniejsze w porównaniu z danymi z Europy). Z kolei osobniki nomadyczne, w porównaniu do stacjonarnych, użytkowały nawet siedmiokrotnie większe arealy i odbywały dłuższe dobowe wędrówki. Osobniki nomadyczne relatywnie często stosowały obie strategie zamiennie. Na powierzchni izolowanej obecność dwóch strategii oraz wysoki stopień sezonowych przesunięć arealu prowadziły do niskiej stabilności użytkowania przestrzeni. Mniejszy był również dystans dyspersji z miejsca urodzenia. Wyższy stopień filopatрии mógł być wynikiem ograniczenia emigracji przez zwarty kompleks leśny oraz większej tolerancji osobników spokrewnionych. Na powierzchni o mniejszym stopniu izolacji nie występowały osobniki nomadyczne. Na obu powierzchniach badawczych udział samców był podobny, a osobniki nie różniły się masą ciała i przeżywalnością.

Podsumowując, w przedstawionej rozprawie doktorskiej kompleksowo przeanalizowano skutki izolacji środowiska, wykazując, że rodzaj matrix otaczającego płaty środowiska wpływa na strukturę genetyczną i ekologię populacji w pofragmentowanym krajobrazie. Dla gatunków silnie związanych ze środowiskiem antropogenicznym naturalne środowiska mogą stanowić barierę ograniczającą dyspersję, a przepływ genów pomiędzy płatami środowiska jest zależny od przepuszczalności danego rodzaju matrix. Izolacja przez

unikany rodzaj matrix prowadzi do pojawienia się struktury genetycznej i zmienia zachowania zwierząt zasiedlających izolowany płat. Otrzymane wyniki sugerują również, że czynnikami, które umożliwiły kolonizację Europy przez kunę domową był wzrost udziału środowisk przekształconych przez człowieka oraz wzrost fragmentacji dużych kompleksów leśnych.